

1 MIIDSKTTLPRH...SLIHTIKLNSNKK...YGPGBTNGNQFIISKQEW 44
 ||... .||:| . |||| .||:| .. ||||:||
 1 MILGNGKTLPKHIRLAHIFATQNSSAKKDNPLGPEGMVTKDGFIISKEEW 50

 45 ATIGAYIQTGLGLPVNEQQLRTHVNLSQDISIPSDFSQLYDVYCSDKTSA 94
 | :||: || ||:|:|:| . | ||. | ||.||.||.|| .|| .
 51 AFVQAYVTTGTGLPINDEMRRHVGGLPSRIQIPDDFNQLYKVYNEDKHLC 100

 95 EWWNKNLYPLIIKSANDIASYGFKVAGDPSIKKDGYFKKLQDELDNIVDN 144
 .||| |:|||:| .|||..|||..|||...| | ||. :|||:||| |||
 101 SWWNGFLFPLVLKTANDISAYGFKCAGKGATK..GYYEVMQDDVENISDN 148

 145 NSDDDAIAKAIKDFKARCGILIKEAKQYEEAKNIVTSILDQFLHGDQ... 191
 . |. | .|| |:| ||| | |||..|||..|||...| :||.||:|
 149 GYDKVAQEKAHKDLQARCKILIKEADQYKAAADDVSKHLNTFLKGQDSD 198

 192 .KKLEGVINIQKRLKEVQTAQNQAHGESSPAHKELLEKVKNLKTTLERTI 240
 ... || ..| .| :|...| ..| .|:||| .|||..||.||| .|| .|
 199 GNDVIGVEAVQVQLAQVKDNLDGLYGDKSPRHEELLKKVDDLKELEAAI 248

 241 KAEQDLEKKVEYSFLLGPLLGVVYEILENTAVQHIKNQIDEIKKQLDSA 290
 |||..|||..| || ||| ||| ||| ||| .||. |...:...:|||..|
 249 KAENELEKKVKMSFALGPLLGVVYEILELTAVKSIHKKVEALQAELDTA 298

 291 QHDLRDVKIIGMLNSINTDIDNLYSQGQEAIKVFQKLQGIWATIGAQIE 340
 ..:||| |||..|:|||:|||:|||:..|||..|:||.||:|||..|: .|:
 299 NDELDRDVKILGMMNSIDTDIDNMLEQGEQALVVFRKIAGIWSVISLNIG 348

 341 NLRTTSLQEVQDSDDADEIQIELEDASDAWLVVAQEARDFTLNAYSTNSR 390
 |||..|||.||:...|..|..| |||:|||..| .|:|||..| .|||..|
 349 NLRETSILKEIEEENDDALYIELGDAAGQWKEIAEEAQSFVLNAYTP... 395

 391 QNLPINVISDSCNCSTTNMTSNQYSNPTTNMTSNQYMISHEYTSPLNNFM 440
